



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

7 กุมภาพันธ์ 2566





กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

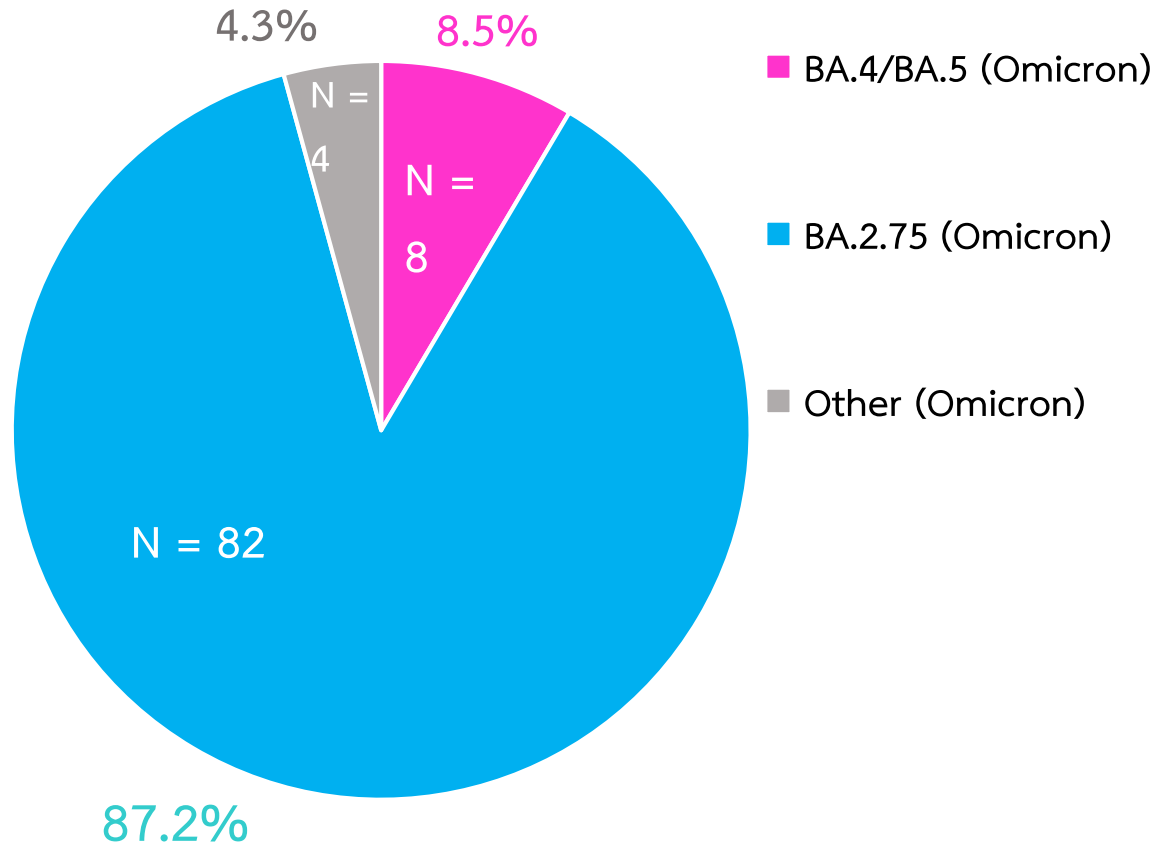
Health area	จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญด้วยวิธี real-time RT-PCR (ราย)													
	Potentially B.1.1.7 (Alpha)	Potentially B.1.617.2 (Delta)	Potentially B.1.351 (Beta)	Potentially BA.1 (Omicron)	Potentially BA.2 (Omicron)	Potentially BA.4/BA.5 (Omicron)			Potentially BA.2.75 (Omicron)			Potentially B.1.1.529 (Other Omicron)		
	30 เม.ย. 64 - 3 ก.พ. 66			5 ก.พ. - 3 ก.พ. 66		14 พ.ค. - 27 ม.ค. 66	28 ม.ค. - 3 ก.พ. 66	Total	2 ก.ค. - 27 ม.ค. 66	28 ม.ค. - 3 ก.พ. 66	Total	1 พ.ย. 64 - 27 ม.ค. 66	28 ม.ค. - 3 ก.พ. 66	Total
เขต 1	571	2438	0	422	1318	713	3	716	247	17	264	716		716
เขต 2	600	1109	0	164	631	215		215	197	5	202	401		401
เขต 3	797	1028	0	64	222	101		101	56	4	60	116		116
เขต 4	644	1639	0	180	762	322		322	135		135	478		478
เขต 5	198	887	0	187	572	226		226	128	3	131	445		445
เขต 6	1942	7031	3	782	2299	645		645	454	17	471	2694	4	2698
เขต 7	727	1771	0	642	1324	420	1	421	140	19	159	1937		1937
เขต 8	586	2902	5	173	580	301		301	220	9	229	1311		1311
เขต 9	158	418	0	60	379	178		178	53		53	346		346
เขต 10	80	265	0	68	346	146		146	181	4	185	106		106
เขต 11	403	942	52	646	1310	241	3	244	160	1	161	2413		2413
เขต 12	2943	4725	630	211	971	300	1	301	144		144	960		960
เขต 13 (กทม.)	4960	13649	4	1687	8482	2748		2748	301	3	304	6544		6544
รวม	14,609 13.77%	38,804 36.57%	694 0.65%	5,286 4.98%	19,196 18.09%	6,556 8.51%	8 8.51%	6,564 6.19%	2,416 87.23%	82 87.23%	2,498 2.35%	18,467 4.26%	4 4.26%	18,471 17.41%

หมายเหตุ : ข้อมูลของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจจกสายพันธุ์ตั้งแต่วันที่ 30 เม.ย. 64 - 3 ก.พ. 66

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 28 ม.ค. – 3 ก.พ. 66

วัตถุประสงค์การตรวจ	Omicron lineage			
	SNP/Deletion (Potentially)			
	BA.4/BA.5	BA.2.75	Other Omicron	Total
กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go)	5	2	0	7
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	3	80	4	87
รวมทั้งหมด	8	82	4	94

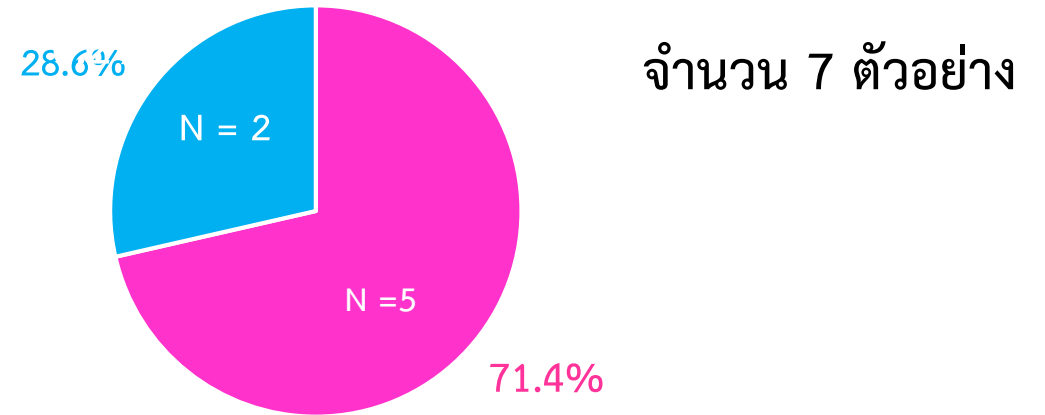
สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 28 ม.ค. – 3 ก.พ. 66



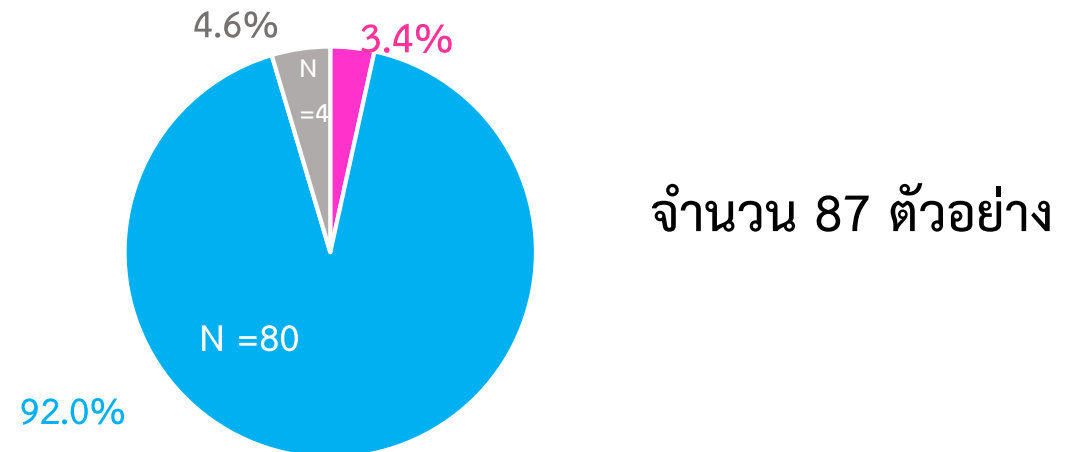
ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 90 ตัวอย่าง จาก 94 ตัวอย่าง

หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 – 3 ก.พ. 2566

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ

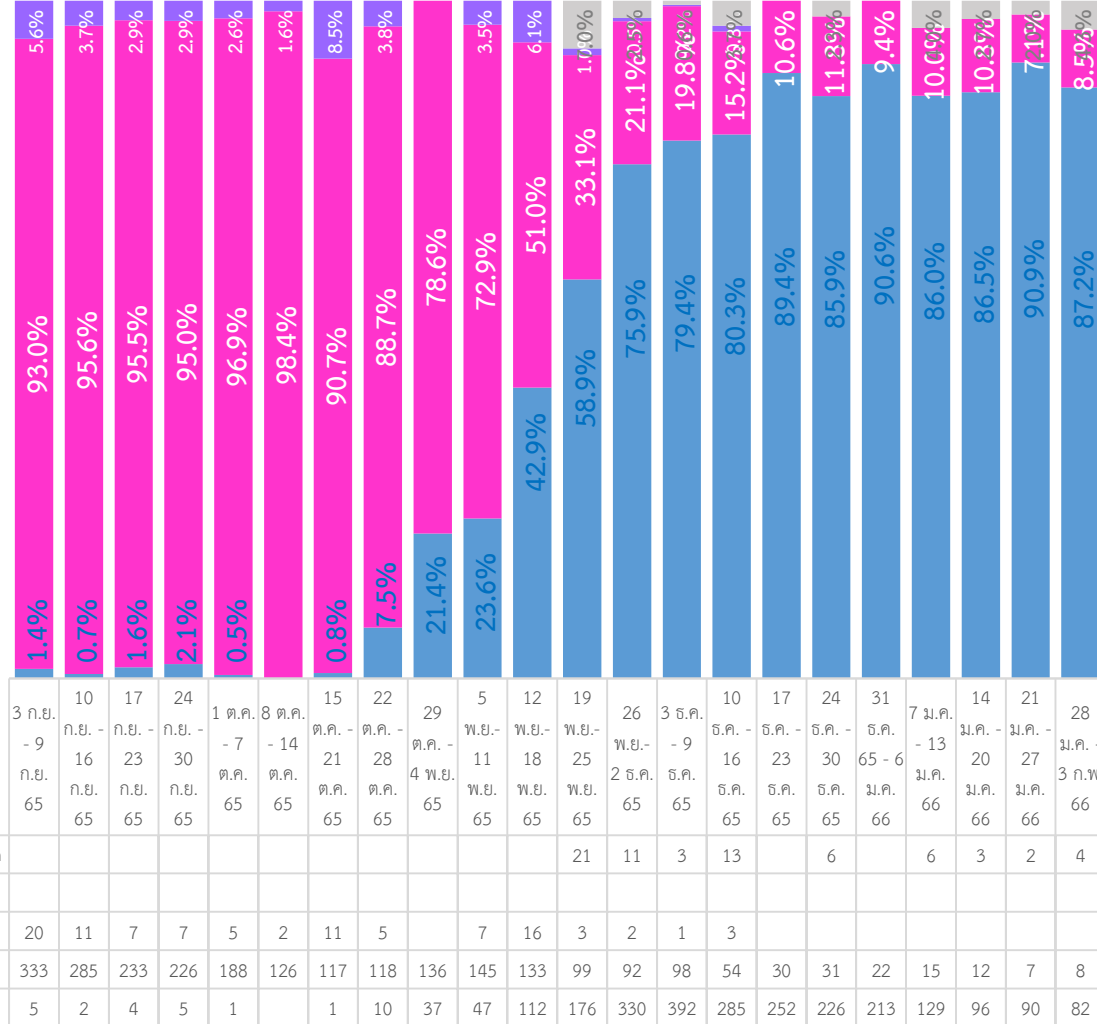




สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ตั้งแต่ กันยายน 2565 (เริ่มพบการระบาดของ สายพันธุ์ BA.2.75)

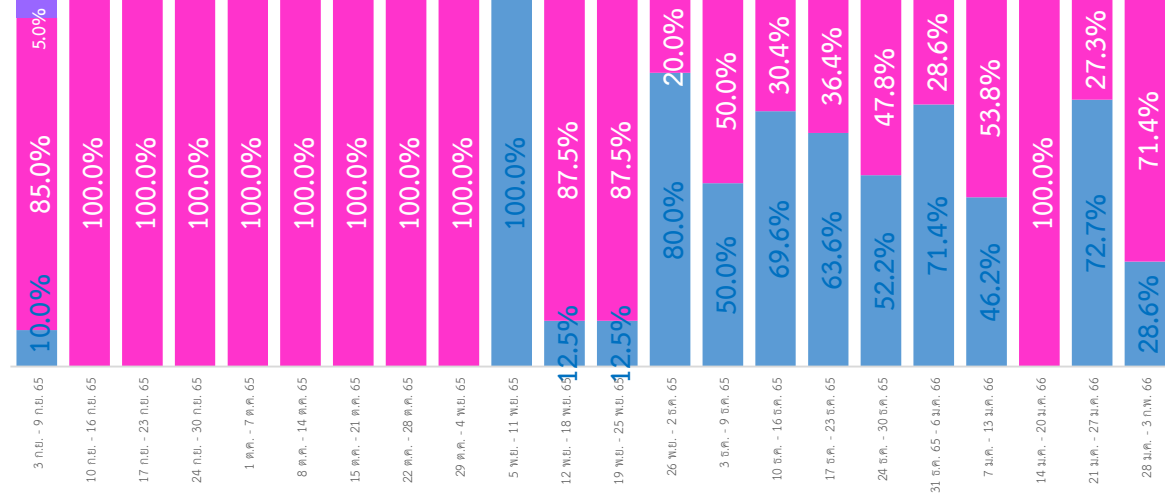
รวมทุกกลุ่ม

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



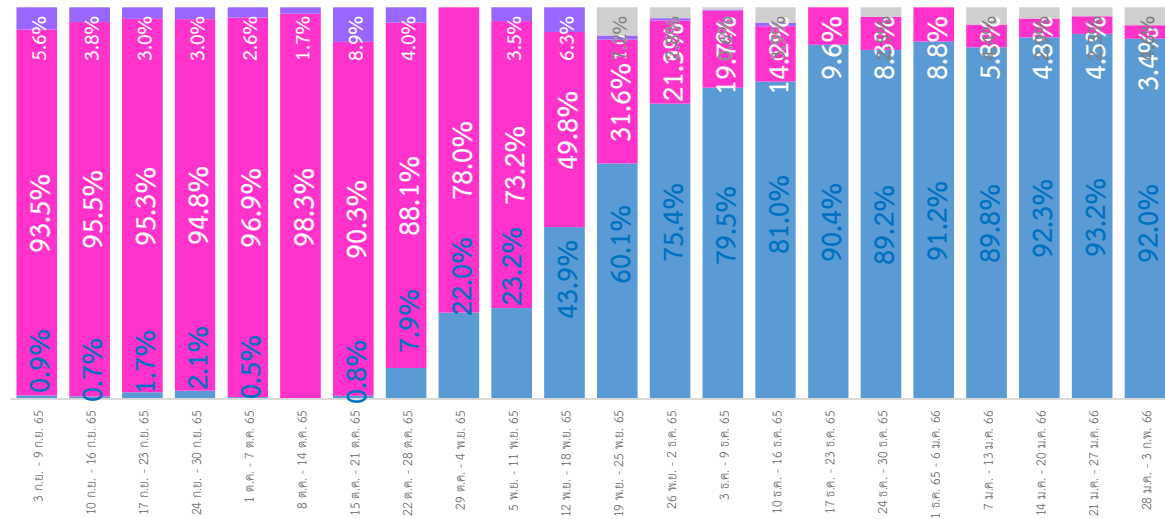
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



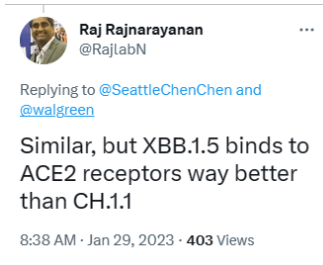
SARS-CoV-2 variants of concern and Omicron subvariants under monitoring

- ขณะนี้องค์การอนามัยโลกกำลังให้ความสำคัญกับการติดตาม Omicron สายพันธุ์ จากพื้นฐานของข้อมูลการเพิ่มความชุกหรือความได้เปรียบด้านอัตราการเพิ่มขึ้นเมื่อเทียบกับสายพันธุ์อื่น ๆ และการกลายพันธุ์ในตำแหน่งที่เกี่ยวข้องกับการได้เปรียบในการก่อโรค
- ในช่วงเดือนมกราคม 2566 ที่ผ่านมา มีรายงานสายพันธุ์ต่างๆ ไปที่ฐานข้อมูลสากล GISAID
 - BF.7 จำนวน 1,147 sequences (4.6%)
 - BQ.1* จำนวน 11,674 sequences (46.9%) รวมถึง BQ.1.1 (7,189 sequences, 28.9%)
 - BA.2.75* จำนวน 3473 sequences (13.9%) รวมถึง BA.2.75.2 (35 sequences, <1%) และ CH.1.1 (1672 sequences, 6.7%)
 - XBB* จำนวน 4049 sequences (16.3%) รวมถึง XBB.1.5 (3005 ลำดับ 12.1%)

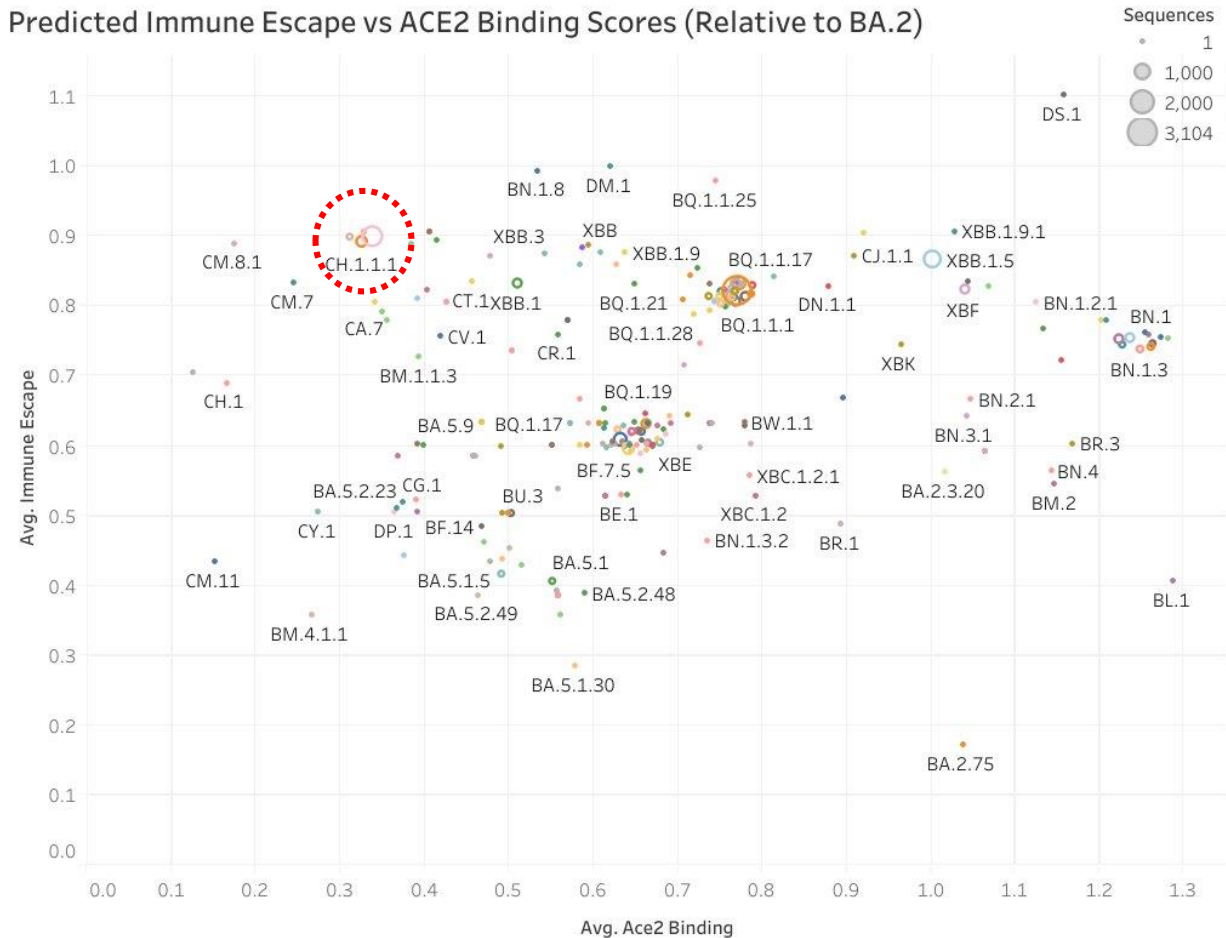
WHO is currently prioritizing the tracking of four Omicron descendent lineages. These variants are included on the basis of signals of an increase in prevalence or signs of growth rate advantage in some countries relative to other circulating variants, and additional amino acid changes that are known or suspected to confer fitness advantage. During epidemiological week 2, 1147 sequences of BF.7 (4.6%), 11 674 sequences of BQ.1* (46.9%), including BQ.1.1 (7189 sequences, 28.9%) were reported. There were 3473 sequences of BA.2.75* (13.9%), including BA.2.75.2 (35 sequences, <1%) and CH.1.1 (1672 sequences, 6.7%). Lastly, 4049 sequences of XBB* (16.3%), including XBB.1.5 (3005 sequences, 12.1%), were submitted globally to GISAID.

CH.1.1

- พบรายงานครั้งแรกในอินเดียเมื่อวันที่ 8 กรกฎาคม 2565 และแพร่กระจายไปทั่วโลกตั้งแต่เดือนพฤศจิกายน 2565
- CH.1.1 และสายพันธุ์ย่อยคิดเป็นกว่าร้อยละ 6 ของข้อมูล sequence จากทั่วโลกในเดือนมกราคม 2566 ที่ผ่านมา พบเชื้อมากกว่าใน 67 ประเทศ (ข้อมูล ณ วันที่ 30 มกราคม 2566) และพบมากที่สุดที่สุดในสหราชอาณาจักร เดนมาร์ก และสิงคโปร์ เป็นสายพันธุ์ย่อยของ BA.2.75 (BA.2.75 + R346T, K444T, L452R, และ F486S) สามารถหลบภูมิคุ้มกันได้ดี
- มีคุณสมบัติคือต่อแอนติบอดีสังเคราะห์ Evusheld และ Bebtelovimab
- มีการกลายพันธุ์บริเวณส่วนหนามที่สำคัญคือ K444T, L452R, N460K, และ F486V ซึ่งทำให้หลบภูมิคุ้มกันจากการติดเชื้อตามธรรมชาติหรือจากการฉีดวัคซีนได้ดี



Predicted Immune Escape vs ACE2 Binding Scores (Relative to BA.2)

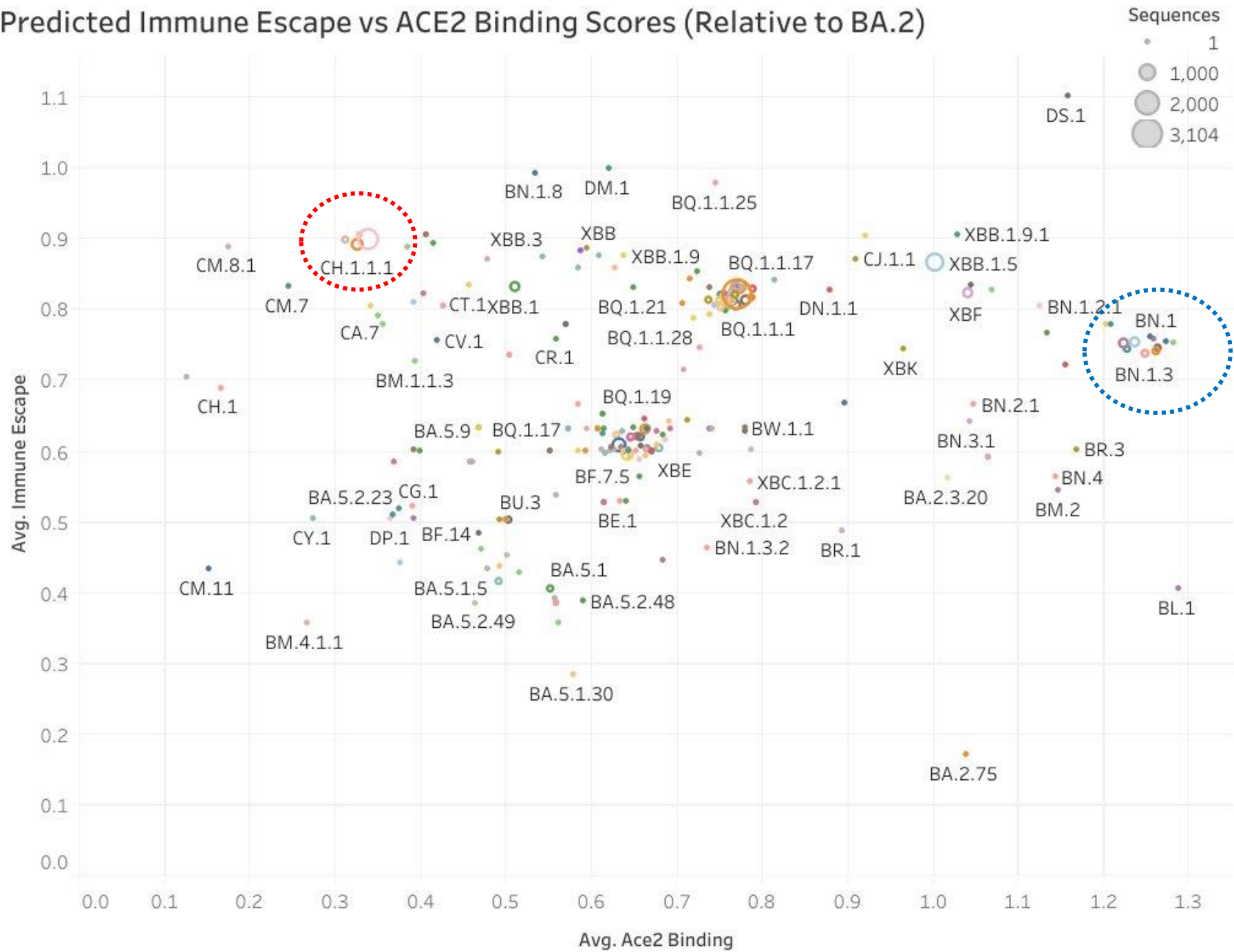


[Tracking SARS-CoV-2 Lineages - Global 20 Day Trends - Australia, Austria, Bangladesh and 57 more | NYITCOMResearchReport | In Silico Immune Escape and ACE2 binding scores were generated using nextclade tool by Cornelius Roemer et al

Predicted impact of RBD mutations on ACE2 binding, relative to a BA.2 baseline. The score is calculated using the same data and logic as Bloom lab's ACE2 binding calculator (see <https://doi.org/10.1101/2022.09.20.508745>). Predicted neutralizing antibody escape relative to BA.2. The score is calculated using the same logic as Bloom lab's antibody escape calculator (see <https://doi.org/10.1093/ve/veac021>) using data generated by Yunlong Cao's group (see <https://doi.org/10.1101/2022.09.15.507787>).

Note: Select good QC sequences from the menu above

Predicted Immune Escape vs ACE2 Binding Scores (Relative to BA.2)



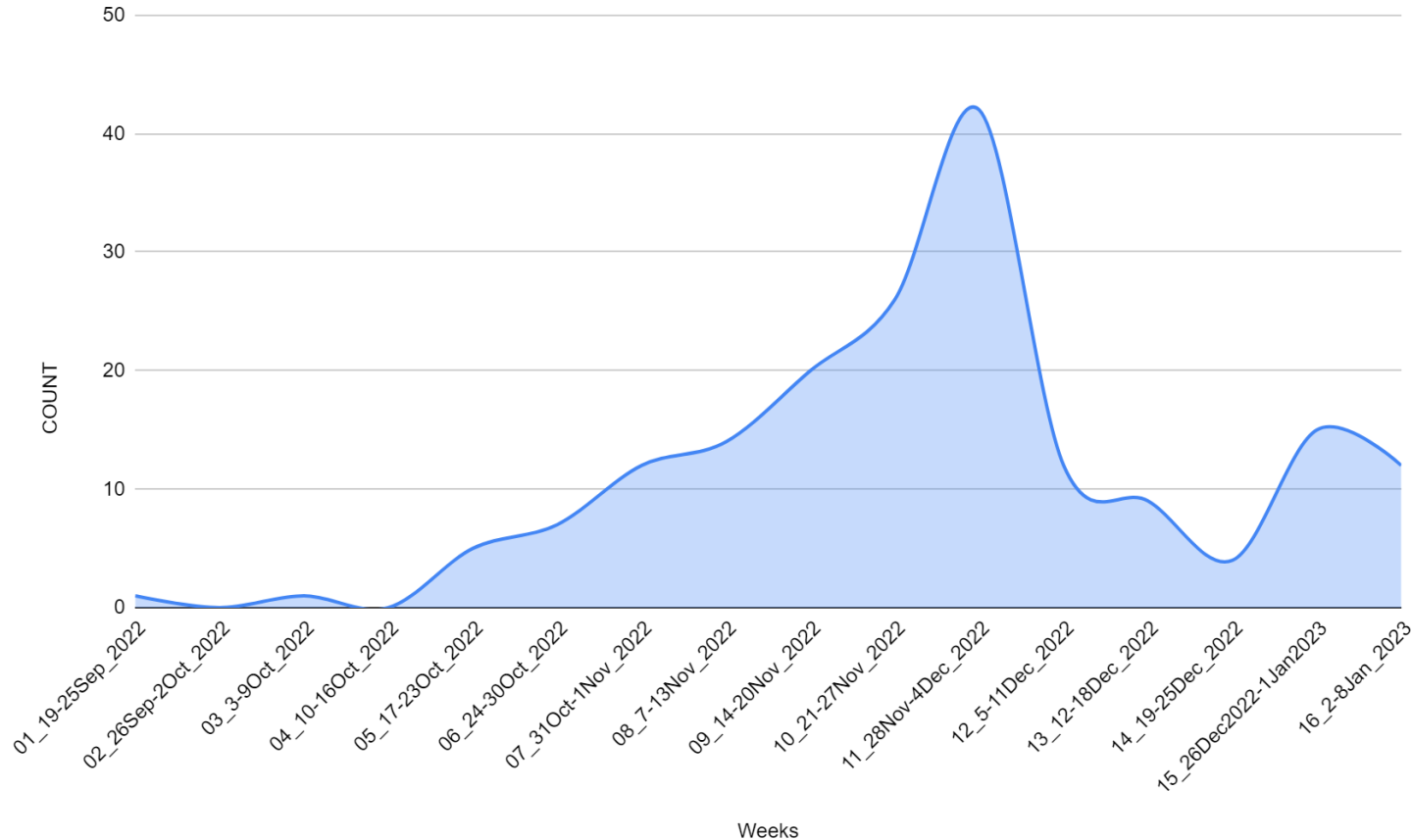


ภาพแสดงจำนวนสายพันธุ์ CH.1.1 ของประเทศไทย

แหล่งข้อมูลอ้างอิง : ฐานข้อมูลสากล GISAID

CH.1.*

ข้อมูล ณ วันที่ 3/2/2023

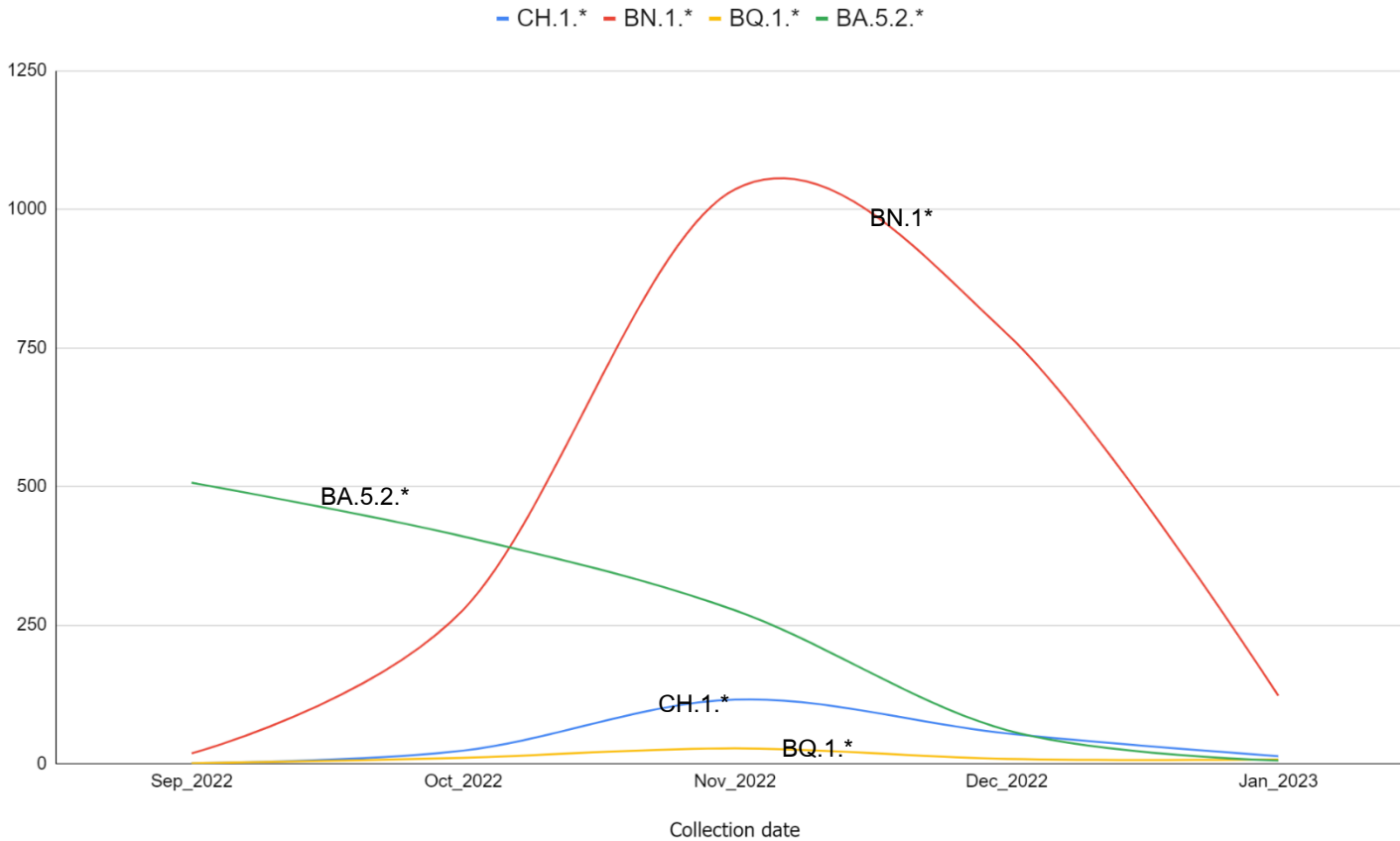


Lineage	จำนวน
CH.1	21
CH.1.1	75
CH.1.1.1	2
CH.1.1.2	3
CH.1.1.3	104
CH.1.1.5	1
	206



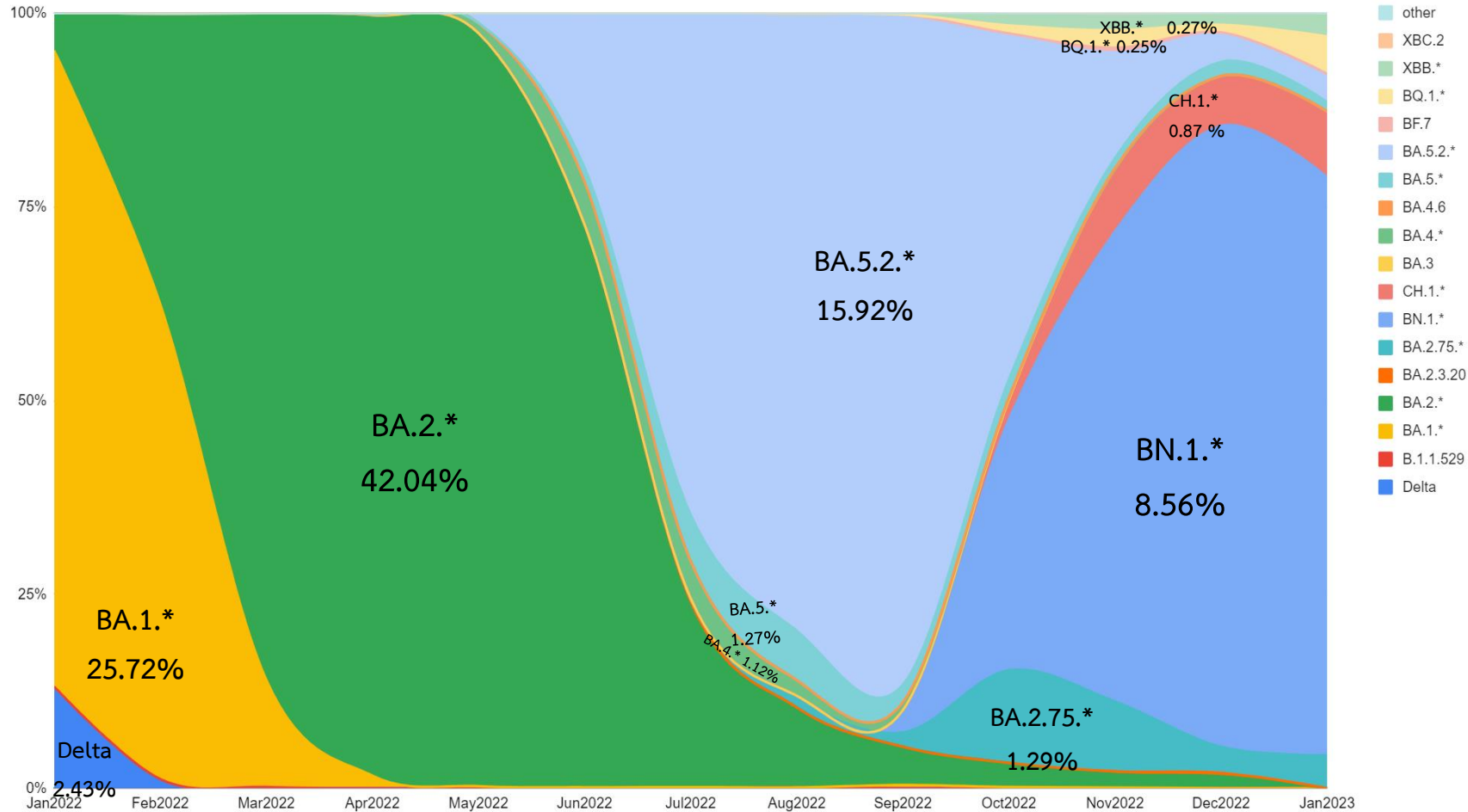
ภาพแสดงจำนวนสายพันธุ์ CH.1.1, BN.1, BQ.1 และ BA5.2 ของประเทศไทย

แหล่งข้อมูลอ้างอิง : ฐานข้อมูลสากล GISAID



Lineage	Sep2022	Oct2022	Nov2022	Dec2022	Jan2023	ผลรวมทั้งหมด
CH.1.*	1	24	116	55	14	210
BN.1.*	19	278	1036	776	123	2232
BQ.1.*	1	11	28	9	8	57
BA.5.2.*	507	410	277	61	6	1261

ภาพแสดงร้อยละการกระจายของสายพันธุ์เชื้อไวรัสก่อโรคโควิด 19 (มกราคม 2565 – 6 กุมภาพันธ์ 2566)



ข้อมูล ณ วันที่ 6 กุมภาพันธ์ 2566 เวลา 10.00 น.

ตารางแสดงจำนวนสายพันธุ์ มกราคม 2566

Lineage	จำนวน	Lineage	จำนวน
BA.2.75.5	1	BN.1.5	3
BA.5	1	BN.1.9	1
BA.5.10	1	BQ.1.1	4
BA.5.2	2	BQ.1.1.1	1
BA.5.2.48	3	BQ.1.1.18	2
BM.1.1.4	1	BQ.1.10	1
BM.2	2	BY.1	1
BM.4.1.1	1	BY.1.1	1
BN.1	3	CH.1	2
BN.1.1	9	CH.1.1	8
BN.1.1.1	4	CH.1.1.3	4
BN.1.2	54	CK.1	1
BN.1.3	46	XBB.1	3
BN.1.3.2	2	XBB.1.2	1
BN.1.3.4	1	XBB.2	1

Grand Total

= 165

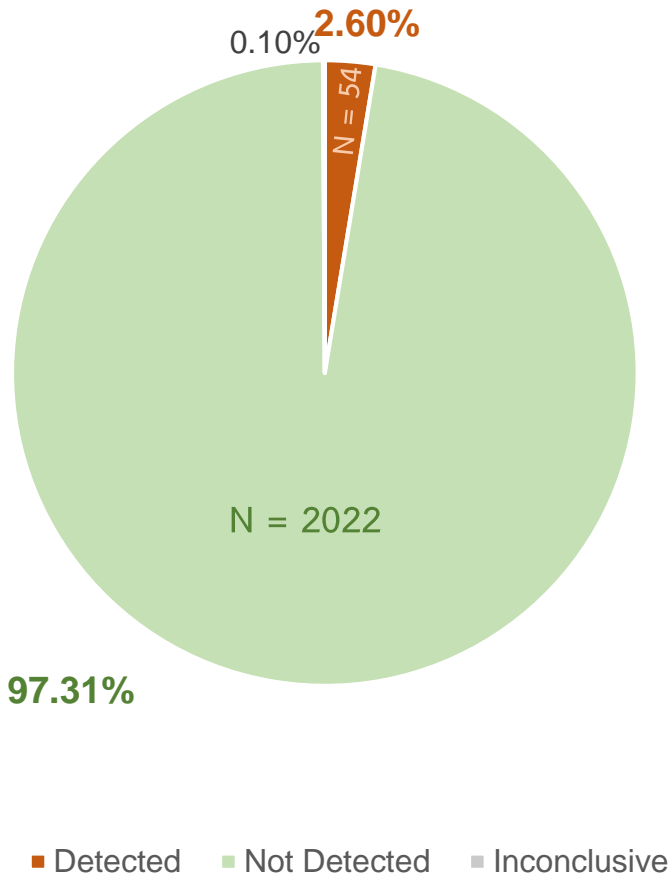


ตารางแสดงจำนวนสายพันธุ์เชื้อไวรัสก่อโรคโควิด 19 (มกราคม 2565 – 6 กุมภาพันธ์ 2566)

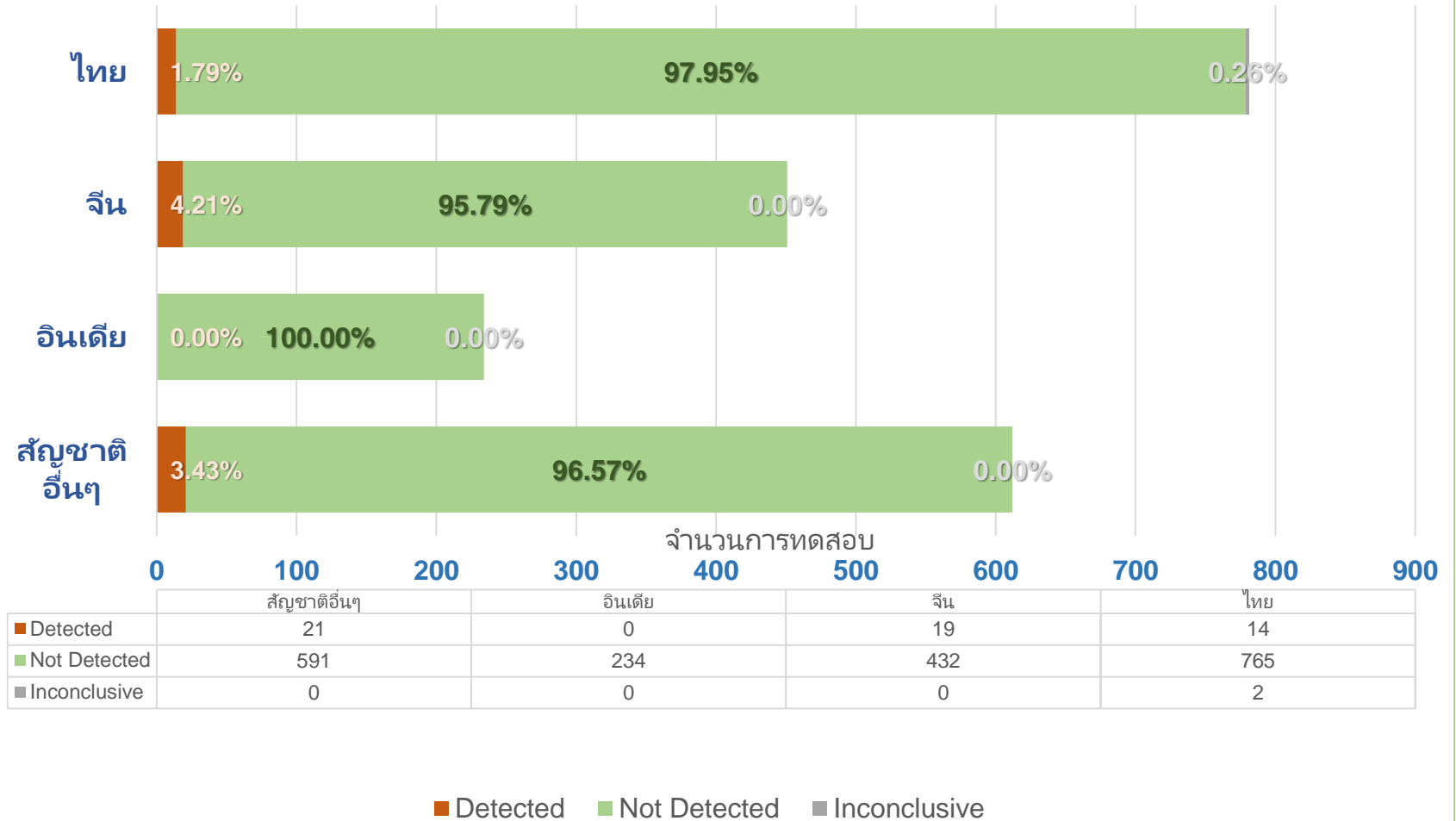
Lineage	Jan2022	Feb2022	Mar2022	Apr2022	May2022	Jun2022	Jul2022	Aug2022	Sep2022	Oct2022	Nov2022	Dec2022	Jan2023	Total
Delta	430	31	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	463
B.1.1.529	8	4	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	14
BA.1.*	2742	1838	276	22	5	2	2	0	2	1	1	0	0	4891
BA.2.*	162	1126	1722	1347	1889	1225	339	108	24	21	20	11	0	7994
BA.2.3.20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	3	0	7
BA.2.75.*	0	0	0	0	0	2	5	14	9	81	104	24	7	246
BN.1.*	0	0	0	0	0	0	1	2	13	219	699	571	123	1628
CH.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	11	5	2	21
CH.1.1.*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	105	48	12	185
BA.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0	0	5
BA.4.*	0	0	0	2	25	91	68	21	4	2	0	0	0	213
BA.4.6	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	1	0	0	4
BA.5.*	0	0	0	0	1	31	85	67	11	16	15	13	2	241
BA.5.2.*	1	0	0	2	25	337	918	835	420	301	157	25	6	3027
BF.7	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	7	2	0	11
BQ.1.*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	26	7	8	48
XBB.*	0	0	0	0	0	0	0	0	1	10	25	11	5	52
XBC.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
other	0	2	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	6
total	3343	3001	2002	1373	1945	1691	1418	1049	486	684	1180	720	165	19057

ผลการตรวจ RT-PCR วัตถุประสงค์คัดกรองก่อนเดินทางออกนอกประเทศ (Fit to Fly) : ระหว่างวันที่ 8 มกราคม – 3 กุมภาพันธ์ 2566

จำนวนการตรวจทั้งหมด 2078 tests

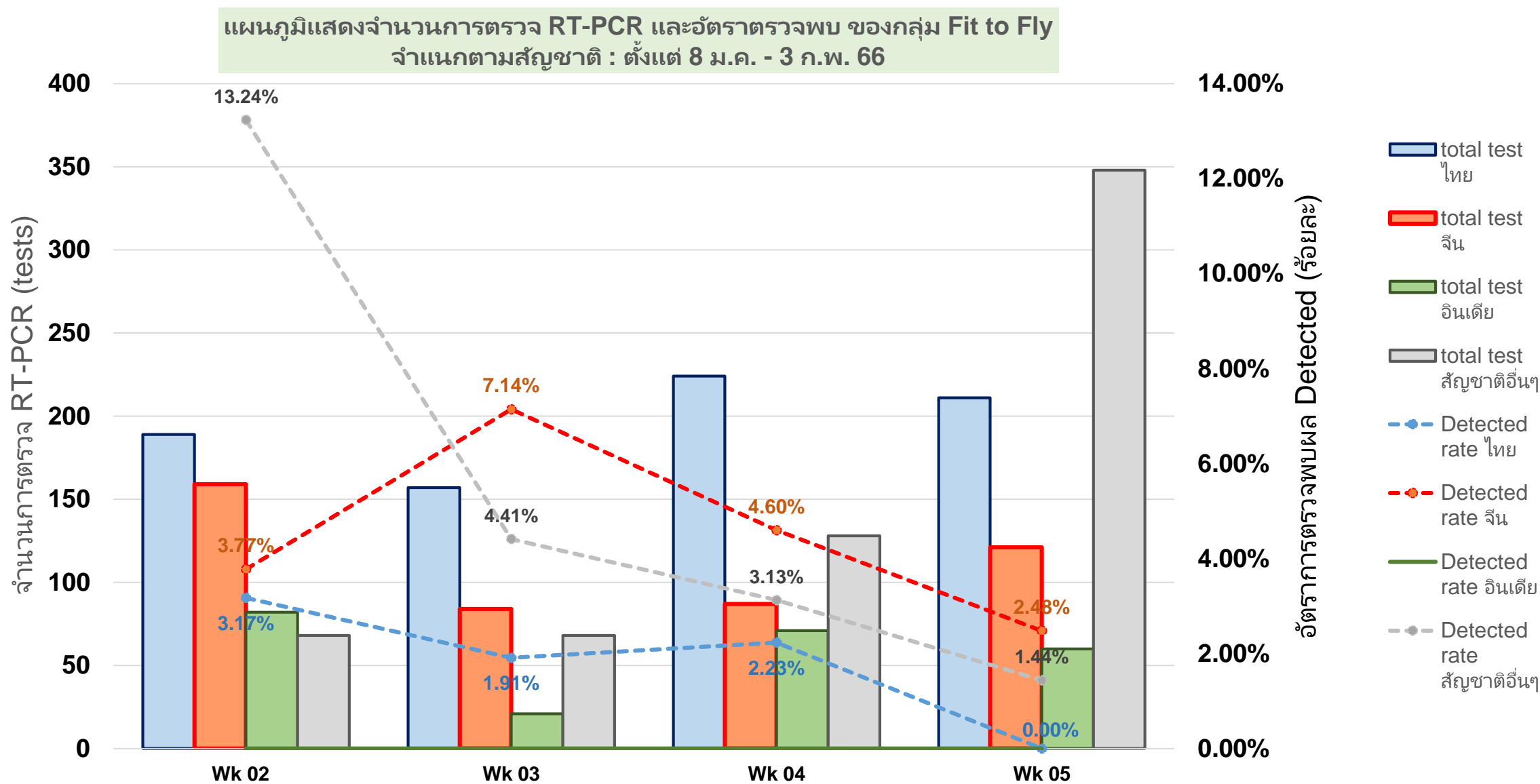


ผลการตรวจ RT-PCR วัตถุประสงค์คัดกรองก่อนเดินทางออกนอกประเทศ (Fit to Fly) :
ระหว่างวันที่ 8 มกราคม – 3 กุมภาพันธ์ 2566 แยกตามสัญชาติ





ผลการตรวจ RT-PCR วัตถุประสงค์คัดกรองก่อนเดินทางออกนอกประเทศ (Fit to Fly) : ระหว่างวันที่ 8 มกราคม – 3 กุมภาพันธ์ 2566



ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES